

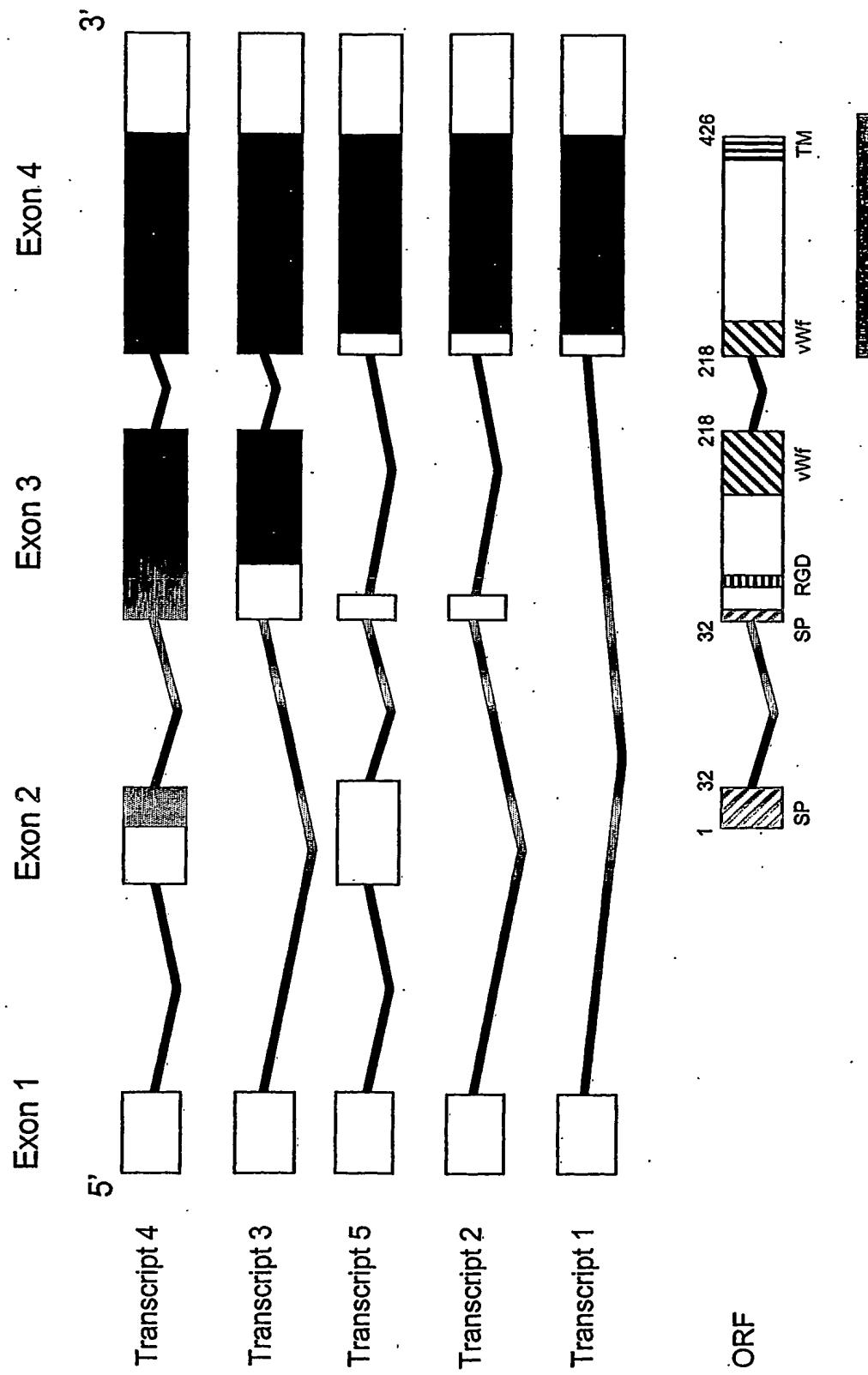
FIGURE 1.

FIGURE 2

Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 20 * 40 * 60 * 80 -M[G]P----- -MQPRERIIVAHG -WIFKAKRREAPAPPGPGRSGPRDATAANPPSPPEPTA -----	-EQEESP----- -EAEWNGCAGAC -DTPEDQALRSYALCTPRRARTCRGDLAFAHSAVHGL -----	RSSHG-SPPNLISLQLLLSGHAHS- -RSEAEFGWPIT----- -LAATLSSSEBAATTS- -----	: 35 : 46 : 87
Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 100 * 120 * 140 * 160 ----QCKILRGNAEYVSEIISGCGGCGGCGGCGGCGGCG ----ECKILKCNSSEIISGCGGCGGCGGCGGCGGCG -----DCQQAQCRIQKCTTFSUTSHNSAVEG -----	----- ----- -----	CAIRSYVALCTRRTARTCRGDLAFAHSAVHGL ----- ----- -----	: 116 : 112 : 159
Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 180 * 200 * 220 * 240 * 260 -HNCSDRGPTAEPERGPATPEASGPIAPDECYEG -HNCSDGPTSEPRDPTEDPSDOSFEDSPEETCHYE -HNCSDGPTTSANPNTAHDPENTESAGAREER -----	----- ----- -----	BBCFLHCAGSFGDPHAVRSFTHLHTCRVQAMPLLDN ----- ----- -----	: 203 : 199 : 240
Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 280 * 300 * 320 * 340 -TGSPTMANIGENATAATPKKEETLTYCQEDBQKVIA -TNTPVLPGSMAATADESKLTKTQVIAQEMD -TNPVPGSSATATNKLTIFKHEEHDQKVIAV -----	----- ----- -----	GGDRPGESSLSIQTANGMHEIQAHQIGTTIIIRQE ----- ----- -----	: 290 : 286 : 326
Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 360 * 380 * 400 * 420 * 440 -AGQLSPTIWKVEDYAWAFS-AEQUVTCVGGCPV -GRYLTBAVMMPERKVAIMEVDSQV -GRYLTFAIRMPEDIANVE--ESQD -----	----- ----- ----- -----	RSEERNREGAAT ----- ----- -----	: 353 : 370 : 405
Protein3 Human_RGM ENSESTP000000023393	* 440 * 460 * 480 * 500 * -EDAYFHISCVEDWISGDPNTEAVVAGC -EDLYYQFCVRFDLITFGDAN -DIYFQSCVFDDLTGDA -----	----- ----- -----	EDTAREWCKEGLPV ----- ----- -----	: 426 : 450 : 478

FIGURE 3

Human	: MCEPGQSPSPRSEHGSPPILSTLLLCCGAAHSQCKTTCRCAEYVSSSNSRSRCCESSEAN	20	*	40	*	60	*	80	*	100
Mouse	: MG----QSPSPRSPHGSPPLSTLLLCCGAAHSQCKTTCRCAEYVSSSNSRSRCCESSEAN									
Rat	: MGDRGCRSPSPRSPHGSPPLSTLLLCCGAAHSQCKTTCRCAEYVSSSNSRSRCCESSEAN									
Fugu	: -----CRLAHSYSGTCTKMRFCRG-----									
Human	: DLAFHSAVHGIEDLMQHNCRSQGPTAPPFRGPALPEAEELPAPDPPGVEERPSRLHGRF	0	*	120	*	140	*	160	*	180
Mouse	: DLAFHSAVHGIEDLMQHNCRSQGPTAPPFRGPALPEAEELPAPDPPGVEERPSRLHGRF									
Rat	: DLAFHSAVHGIEDLMQHNCRSQGPTAPPFRGPALPEAEELPAPDPPGVEERPSRLHGRF									
Fugu	: DLAYHSAVHGIEDLLIQECPTRQPPFLV-----									
Human	: LFVQATSSPMATGANATTIRKLTILKOMOECEDOMAICEDVNLPWAKEDGSINCGDRPGGSSLSIOTANLGNHEVIIQAYAIGTTTIRTAGOLSF	00	*	220	*	240	*	260	*	280
Mouse	: LFVQATSSPMATGANATTIRKLTILKOMOECEDOMAICEDVNLPWAKEDGSINCGDRPGGSSLSIOTANLGNHEVIIQAYAIGTTTIRTAGOLSF									
Rat	: LFVQATSSPMATGANATTIRKLTILKOMOECEDOMAICEDVNLPWAKEDGSINCGDRPGGSSLSIOTANLGNHEVIIQAYAIGTTTIRTAGOLSF									
Fugu	: LYVQATSSPMATRGGFATMLKIVVVKSEWLCYDQIUYZELDDVPH-----									
Human	: IKVAEDVAWAFAQDLQLCVGGCPESQRSTSERNBRGEAIDITARDFCECILVWEDAYFHSVCVDVFDVLSISGDPNFTVAAQNALEDAFRLDLEKLHL	300	*	320	*	340	*	360	*	380
Mouse	: IRVAEDVARAFAQDLQLCVGGCPESQRSTSERNBRGEAIDITARDFCECILVWEDAYFHSVCVDVFDVLSISGDPNFTVAAQNALEDAFRLDLEKLHL									
Rat	: IRVAEDVARAFAQDLQLCVGGCPESQRSTSERNBRGEAIDITARDFCECILVWEDAYFHSVCVDVFDVLSISGDPNFTVAAQNALEDAFRLDLEKLHL									
Fugu	: VTSERSVIVEAFSPQEQDLQLCMYGGCPASQKLSPEEACG-----									
Human	: FPSDAGWPLSSATHLEPLLSGLFVLWLICIQ-----	400	*	420	*	440	*	460	*	480
Mouse	: FPSDAGWPLSPATCLVPLLSALFVLWLICIQ-----									
Rat	: FPM DAGPPLSPATCLVPLLSVLFVLWLICIQ-----									
Fugu	: LSPPTSAAQREPLFCLLILLES-----									

FIGURE 5

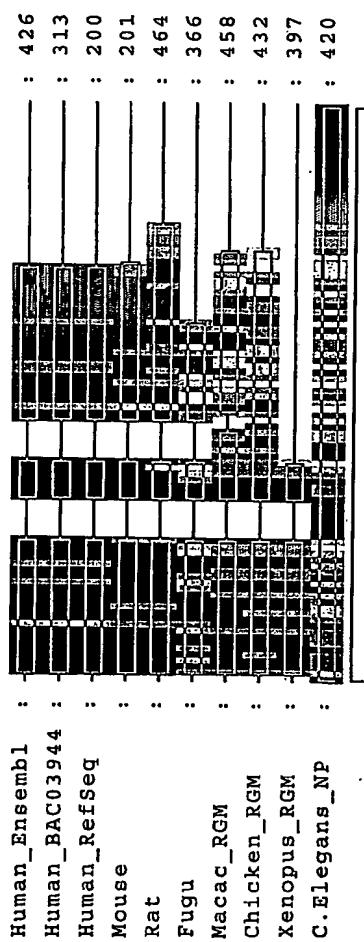
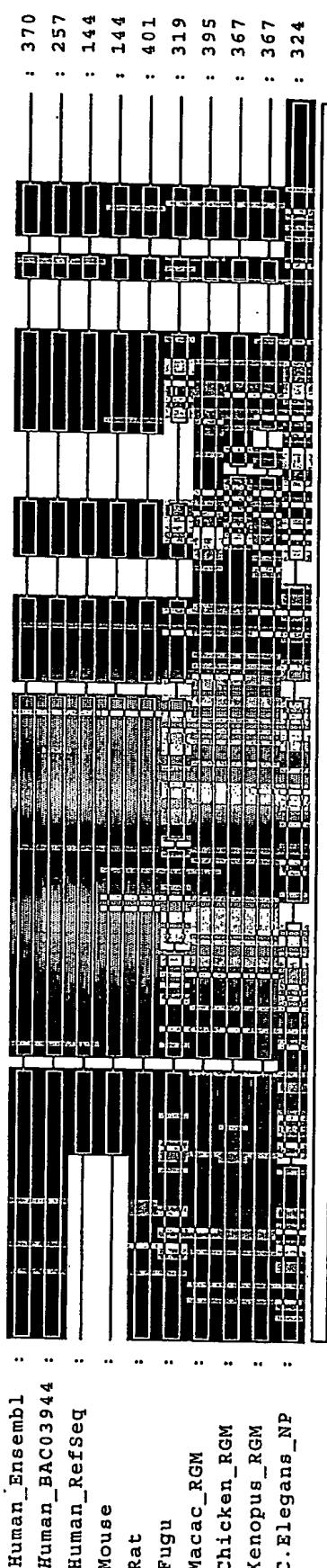
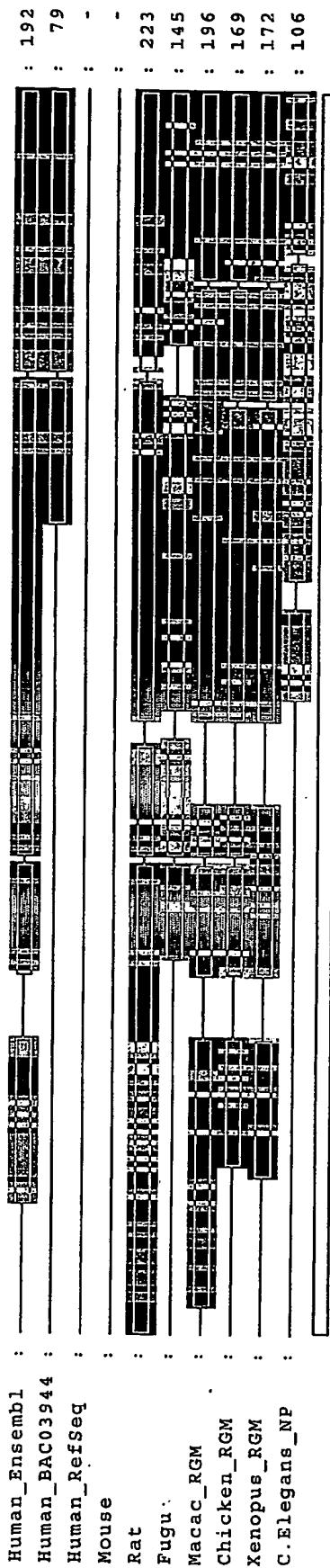
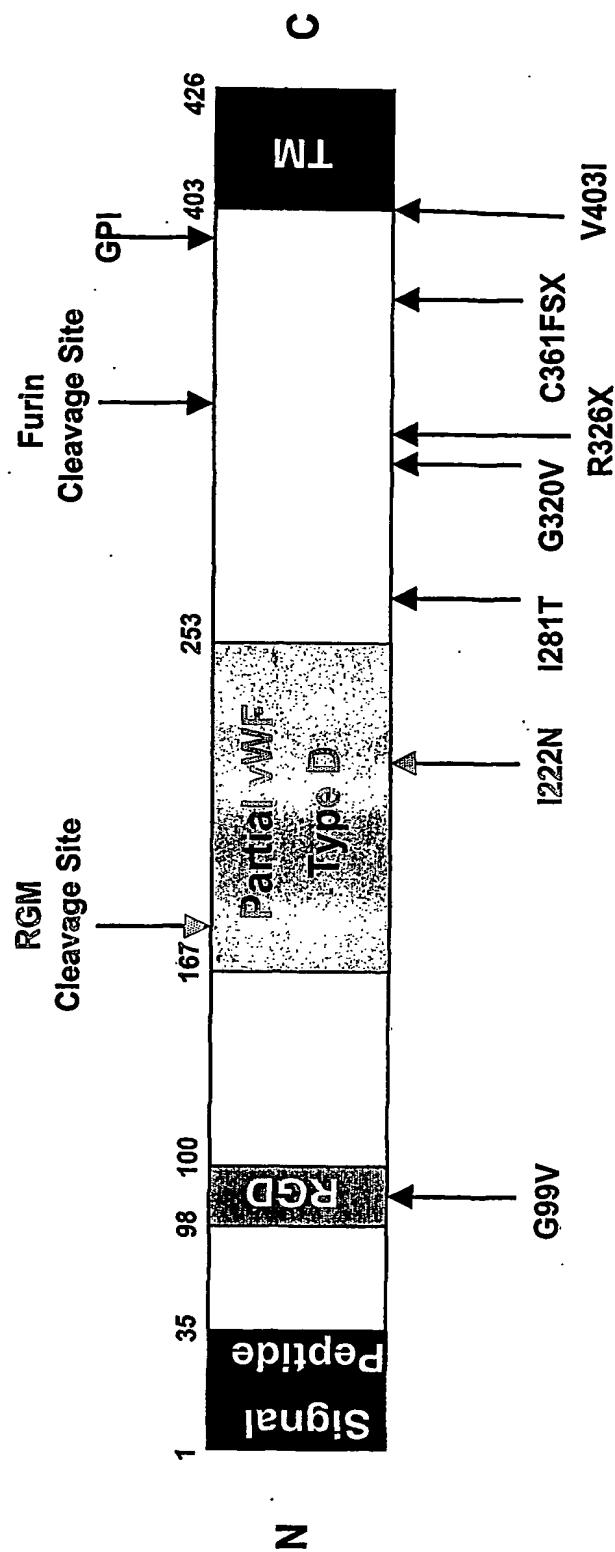


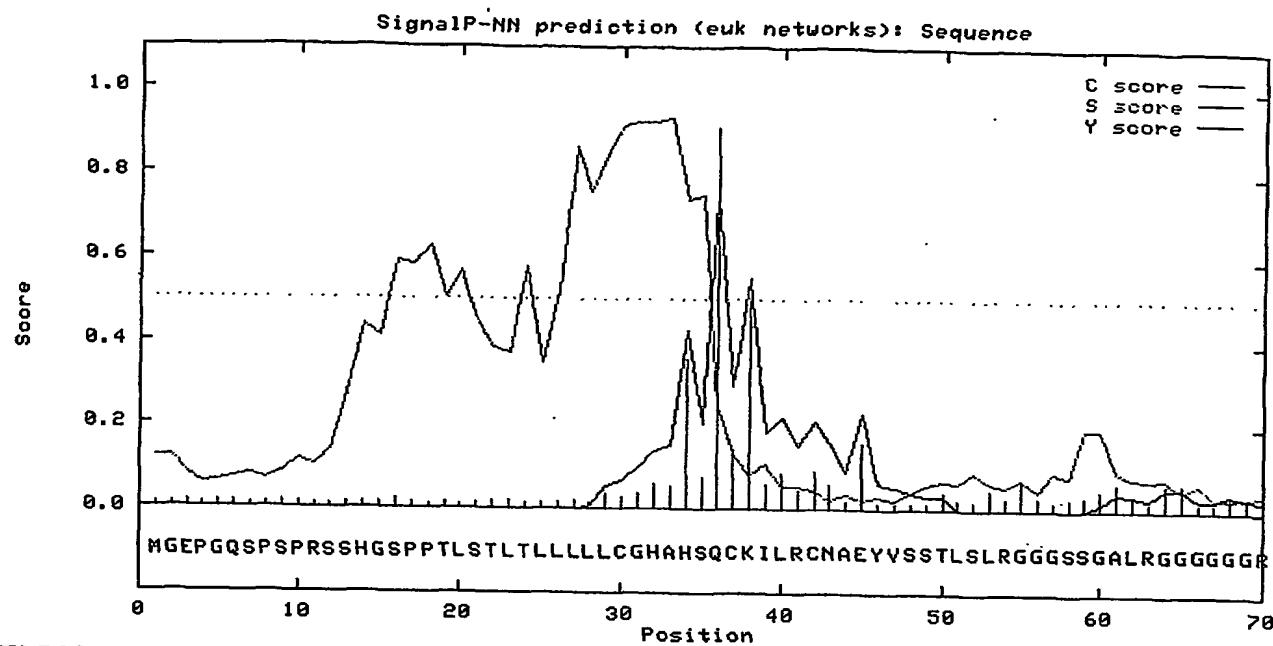
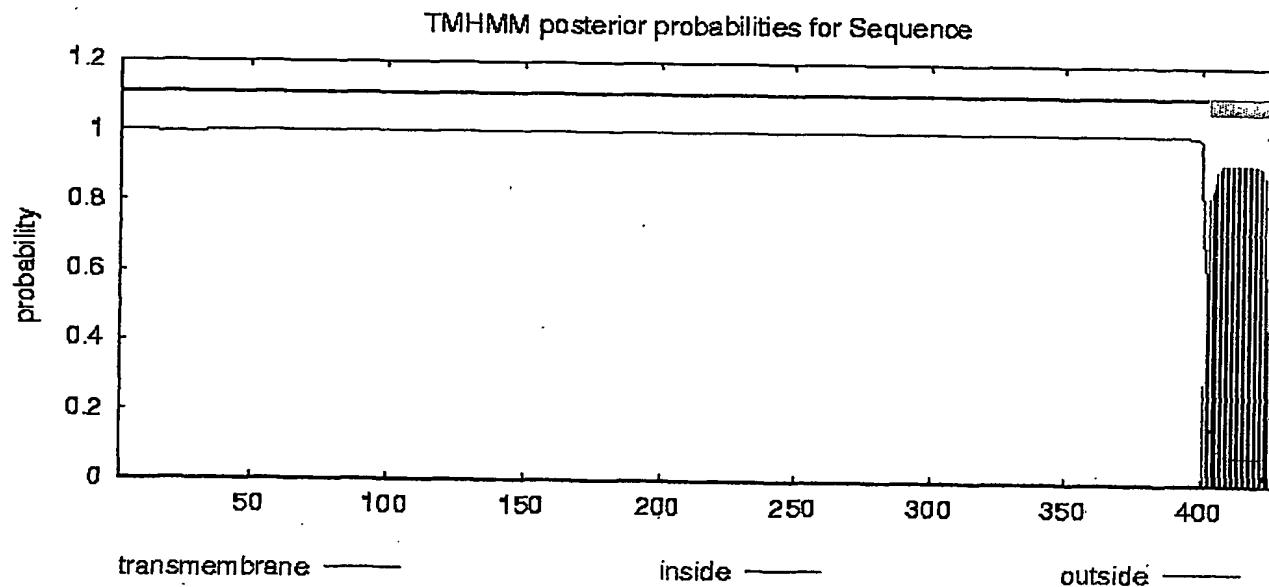
FIGURE 6A

BEST AVAILABLE COPY

Figure 6B

FIGURE 7A



**FIGURE 7B****FIGURE 7C**

BEST AVAILABLE COPY

	*	180	*	200	*
LOC148738	:	CA[RE]GDPHVRSFH----H[H]HTCRVOCAWPL[D]NDELEVOATSSPMALGA	:	46	
gnl CDD 192	:	CSVSGDGHYTTFDGRICYTPCNCTYVLAQDGTSSEPSRSVILKVN--GGG	:	48	

	220	*	240	*	260	
LOC148738	:	NATATRKLTII[R]KNMORCI[D]QKVYQ[N]VD----NLPVAEE[DGSIN]	:	87		
gnl CDD 192	:	DATCLKSVVKVELNDIEIELKDDGGKVTVNSQ[Q]VSLPYKTS[DGSIR]	:	93		

FIGURE 7D

↓ *
Human : F[C]DPHVRSE----- : 9
Chicken_RGM : FGDPHLRTF----- : 9

FIGURE 7E

FIGURE 8A

1 **ATGGGGAGCCAGGCCAGTCCCCTAGTCCCAGGTCTCCCATGGCAGTCACCAACTCTA**
 1 -M--G--E--P--G--Q--S--P--S--P--R--S--S--H--G--S--P--P--T--L--
 61 **AGCACTCTCACTCTCTGCTGCTCTGTGGACATGCTCATTCATGCAAGATCCTC**
 21 -S--T--L--T--L--L--L--C--G--H--A--H--S--Q--C--K--I--L--
 121 **CGCTGCAATGCTGAGTACGTATCGTCCACTCTGAGCCTTAGAGGTGGGGTTCATCAGGA**
 41 -R--C--N--A--E--Y--V--S--S--T--L--S--L--R--G--G--G--S--S--G--
 181 **GCACCTCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG**
 61 -A--L--R--G--G--G--G--R--G--G--G--V--G--S--G--G--L--C--
 241 **CGAGCCCTCCGCTCCATGCGCTCTGCACCTGGCGCACCGCCCGCACCTGCCGCCGAC**
 81 -R--A--L--R--S--Y--A--L--C--T--R--R--T--A--R--T--C--R--G--D--
 301 **CTCGCCTTCATTGGCGGTACATGGCATCGAACGACTGATGATCCAGCACAACTGCTCC**
 101 -L--A--F--H--S--A--V--H--G--I--E--D--L--M--I--Q--H--N--C--S--
 361 **CGCCAGGGCCCTACAGCCCCCTCCCCCGCCCCGGGGCCCCGCCCTCCAGGCAGGGCTCC**
 121 -R--Q--G--P--T--A--P--P--P--P--R--G--P--A--L--P--G--A--G--S--
 421 **GGCCTCCCTGCCCGGACCTTGTGACTATGAAGGGCGTTTCCCGGCTGCATGGTCGT**
 141 -G--L--P--A--P--D--P--C--D--Y--E--G--R--F--S--R--L--H--G--R--
 481 **CCCCCGGGGTTCTGCATTGCGCTTCCTCGGGACCCCCATGTGCGCAGCTCCACCAT**
 161 -P--P--G--F--L--H--C--A--S--F--G--D▲P--H--V--R--S--F--H--H--
 541 **CACTTACACATGCCGTGTCCAAGGAGCTGGCCTACTGGATAATGACTTCCTCTT**
 181 -H--F--H--T--C--R--V--Q--G--A--W--P--L--L--D--N--D--F--L--F--
 601 **GTCCAAGCCACCAGCTCCCCATGGCGTTGGGGCCAACGCTACCGCCACCCGGAAGCTC**
 201 -V--Q--A--T--S--P--M--A--L--G--A--N--A--T--A--T--R--K--L--
 661 **ACCATCATATTAAGAACATGCAGGAATGCATTGATCAGAAGGTGTATCAGGCTGAGGTG**
 221 -T--I--I--F--K--N--M--Q--E--C--I--D--Q--K--V--Y--Q--A--E--V--
 721 **GATAATCTCCTGTAGCCTTGAAAGATGGTCTATCAATGGAGGTGACCGACCTGGGGGA**
 241 -D--N--L--P--V--A--F--E--D--G--S--I--N--G--G--D--R--P--G--G--
 781 **TCCAGTTGTCATTCAAACGTGCTAACCTGGAACCATGTGGAGATCCAAGCTGCC**
 261 -T--S--L--S--I--Q--T--A--N--P--G--N--H--V--E--I--Q--A--A--Y--
 841 **ATTGGCACAACATAATCATTGGCAGACAGCTGGCAGCTCTCCTCTCCATCAAGGTA**
 281 -I--G--T--T--I--I--R--Q--T--A--G--Q--L--S--F--S--I--K--V--
 901 **GCAGAGGATGTGGCATGGCCTCTCAGCTGAACAGGACCTGCAGCTGTGTTGGGGGG**
 301 -A--E--D--V--A--M--A--F--S--A--E--Q--D--L--Q--L--C--V--G--G--
 961 **TGCCCTCCAAGTCAGCGACTCTCGATCAGAGCGCAATGTCGGGGAGCTATAACCATT**
 321 -C--P--P--S--Q--R--L--S--R--S--E--R--N--R--R--R▲G--A--I--T--I--
 1021 **GATACTGCCAGACGGCTGTGCAAGGAAGGGCTCCAGTGGAAAGATGCTTACTTCATTCC**
 341 -D--T--A--R--R--L--C--K--E--G--L--P--V--E--D--A--Y--F--H--S--

FIGURE 8B

```

1081 TGTGTCTTGATTTAATTCTGGTATCCCAACTTACCGTGGCAGCTCAGGCAGCA
361 -C--V--F--D--V--L--I--S--G--D--P--N--F--T--V--A--A--Q--A--A-
                                         *   *   *
1141 CTGGAGGATGCCGAGCTTCTGCCAGACTTAGAGAAAGCTGCATCTTCCCCTCAGAT
381 -L--E--D--A--R--A--F--L--P--D--L--E--K--L--H--L--F--P--S--D-
                                         *
1201 GCTGGGGTTCTCTTCCCTCAGCAACCCTCTAGCTCCACTCCTTCTGGGCTCTTGTG
401 -A--G--V--P--L--S--S--A--T--L--L--A--P--L--L--S--G--L--F--V-
1261 CTGTGGCTTGATTCAGTAAGGGGACCATCAGTCCCATTACTAGTTGGAAATGATTG
421 -L--W--L--C--I--Q--* . . . . .

```

FIGURE 9

- Open circle/square = Unknown (no data)
- Crossed circle/square = Unaffected
- Filled circle/square = Affected
- Grey circle/square = Unknown (ambiguous)
- Slash circle/square = Deceased

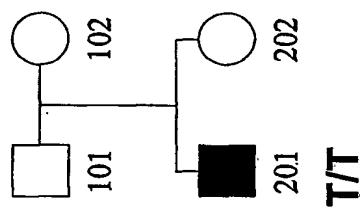
FIGURE 9A**JH-003**

FIGURE 9B

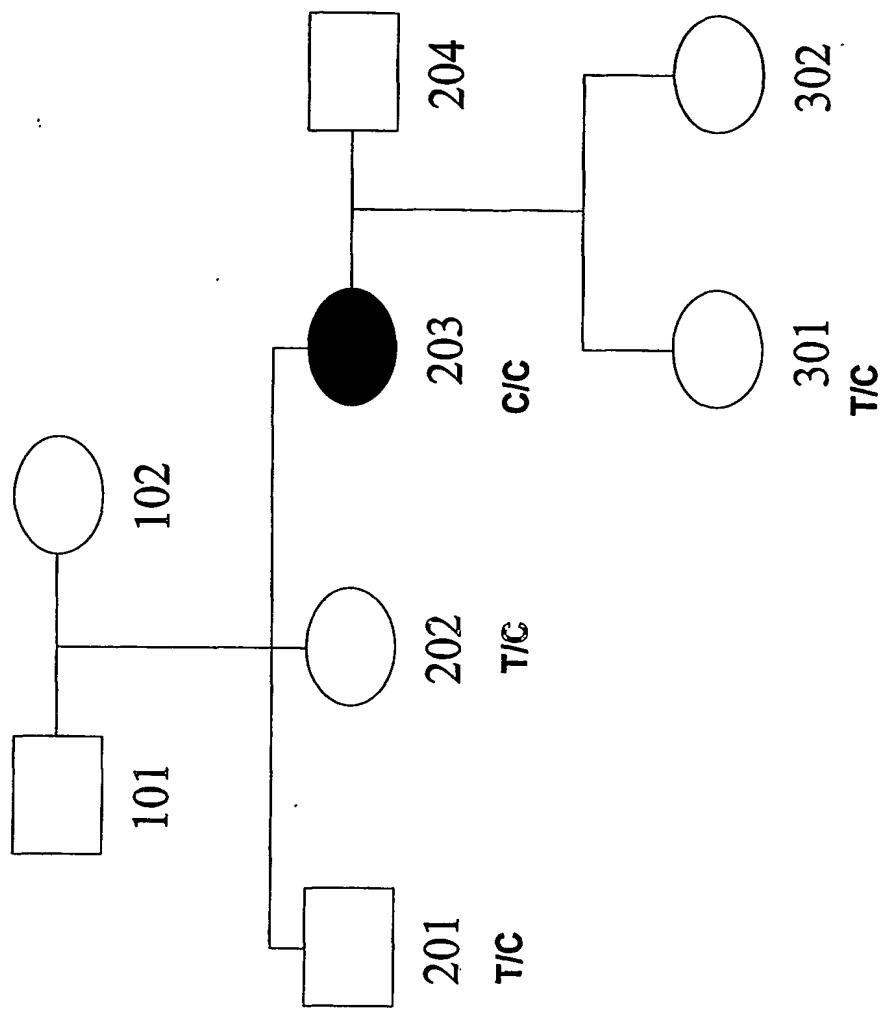
JH-004

FIGURE 9C

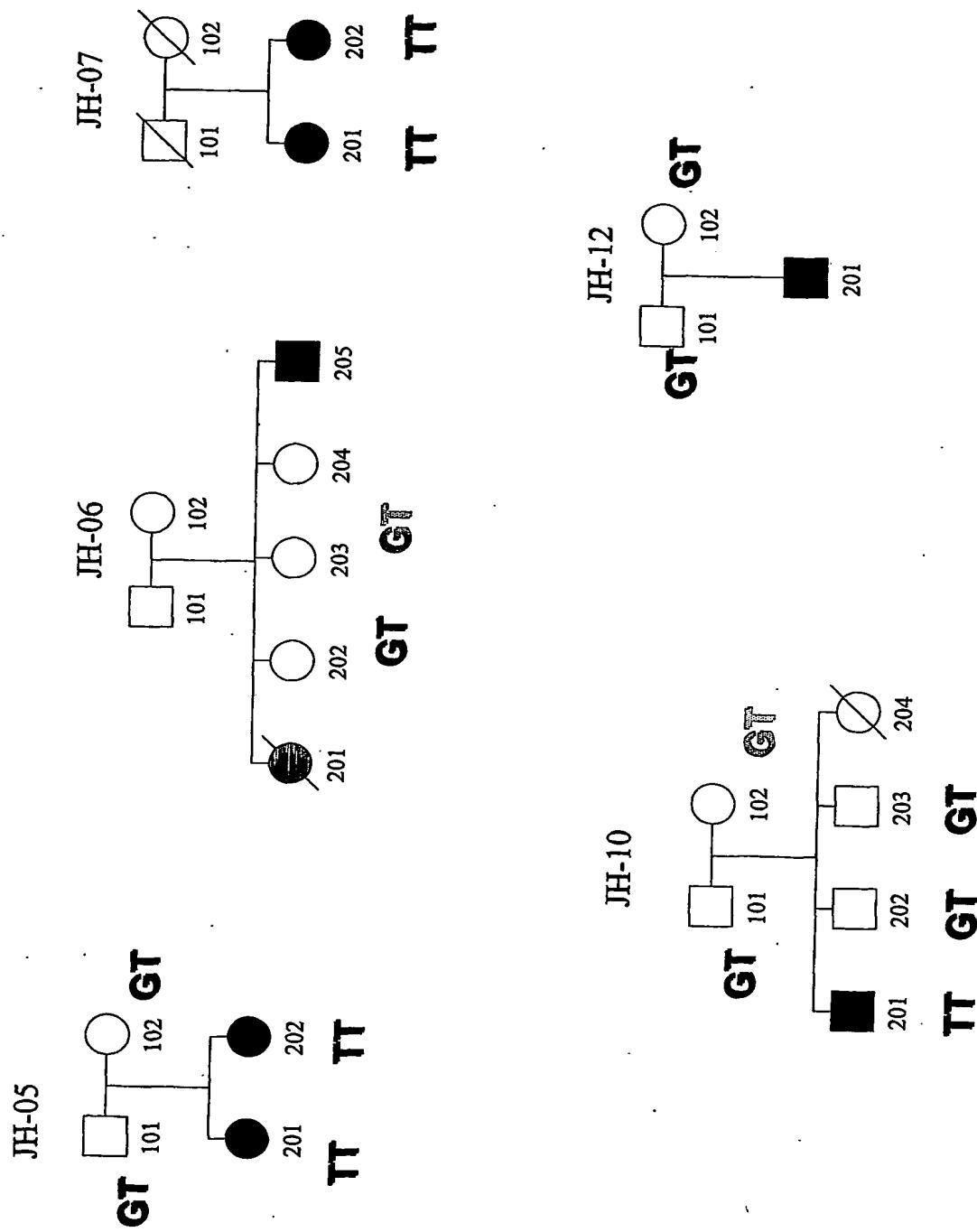


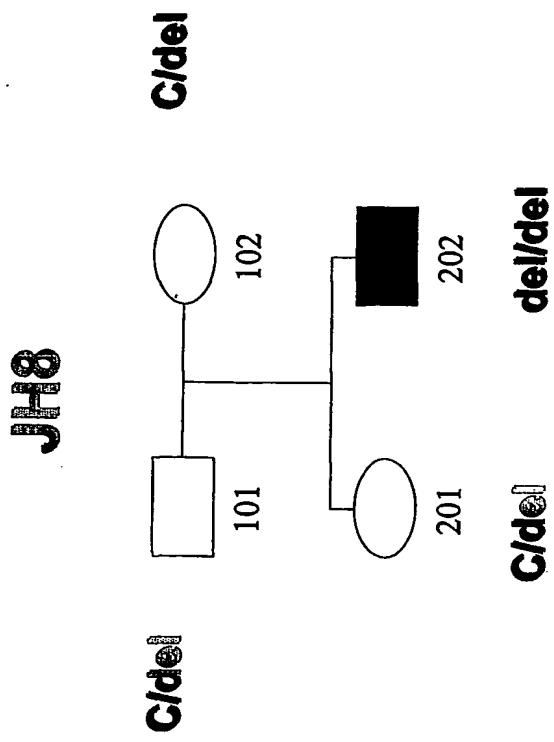
FIGURE 9D

FIGURE 9E